第 43 卷 第 2 期
2000 年 5 月

昆 虫 学 报
ACTA ENTOMOLOGICA SINICA

Vol.43, No.2
May, 2000

文章编号：0454-6296（2000）02-0143-09

迁移对害虫抗性演化的影响

莫建初，庄佩君，唐振华*

（中国科学院上海昆虫研究所，上海 200025）

摘要：利用抗性群体遗传模型研究了迁移对害虫抗性演化的影响。模拟结果表明，迁入比例对害虫种群抗性演化的影响存在一定的阈值。若迁入个体全为敏感（SS）纯合子，而其比例又在阈值以下时，这种迁入对抗性演化无延缓作用；迁入比例在阈值以上时，随比例加大，对抗性延缓作用逐渐增强，加大到某一值时，抗性演化可完全被阻止；若迁入个体携有 R 基因，则迁入比例在阈值以下时，会促进迁入区害虫种群的抗性演化；在阈值以上时，可延缓或完全阻止害虫种群的抗性演化。处理区害虫种群原有个体的迁出，可加强 SS 个体迁入对害虫种群抗性演化的影响，而使携 R 基因的个体的迁入影响减弱。以小菜蛾 *Plutella xylostella* 为模型昆虫所作的试验结果表明，模型模拟与验证试验的结果具有较好的一致性，说明抗性模拟模型可用于害虫种群的抗性演化预测和分析。

关键词：抗性演化；迁移；害虫种群

中图分类号：Q961；Q965.9 **文献标识码**：A

大量文献表明，害虫抗性的产生是防治过程中杀虫剂不断筛选种群内抗性基因的结果。因此，如果在防治过程中，降低杀虫剂对抗性基因的筛选强度或应用某些方法减缓抗性基因在害虫种群中的聚集速度，无疑会使抗性的产生和发展即抗性的演化速度得到延缓或抑制。迁移是自然界中害虫种群的一种空间运动形式，敏感个体迁入杀虫剂处理区可延缓害虫的抗性演化，而含抗性基因的个体的迁入会促进未处理区内害虫的抗性演化[1~11]。然而，究竟迁入多大的比例，既不会因个体迁入量增加而导致杀虫剂应用增多，又可因敏感个体的迁入而使处理区的抗性基因得到稀释；同时处理区携抗性基因的个体的迁出对区内种群抗性的发展有何影响，一直不甚明了。为此，作者利用抗性种群遗传模型在计算机上作了模拟研究。

1 材料与方法

1.1 模型假定条件

（1）抗性由具两个等位基因（抗性基因 R 和敏感基因 S）的单一位点控制，每种基因型有一条固定的剂量对数-死亡率机率值直线；（2）害虫种群世代不重叠，生命周期分为几个阶段，应用杀虫剂防治时，一个世代只在某一阶段用药一次；（3）害虫种群间无生殖隔离，RR、RS、SS 三种基因型个体间可自由交配，后代性比 1:1；（4）害虫雌雄个体均为二倍体，抗性基因频

基金项目：国家“八五”攻关项目和中国科学院重点资助项目的一部分
* 通讯联系人
收稿日期：1997-09-30；修订日期：1998-05-17

率和表达相等；（5）RR、RS、SS三种基因型个体存在繁殖能力差异，令其内禀增长率分别为0.90、0.95和1.00；（6）个体在受药时无避难场所。

1.2 杀虫剂作用时害虫的死亡率

假定种群中RR、RS、SS三种基因型个体，在杀虫剂作用下具有三种不同类型的存活比率：（1）高死亡率时RR、RS、SS个体的存活率 W_{RR}、W_{RS}、W_{SS}值分别为1、0.10和0.01；（2）较高死亡率时 W_{RR}、W_{RS}、W_{SS}值分别为1、0.50和0.05；（3）中等死亡率时三值依次为1、0.95和0.10。

1.3 无杀虫剂作用时抗性个体的适合度

假定种群中的RR、RS个体，在无杀虫剂作用时，相对于SS个体的适合度值（RR个体的为 d，RS个体的为 h）具有以下三种形式：（1）无适合度劣势（$d=h=1$）；（2）中等适合度劣势（$d=0.70$，$h=0.75$）；（3）高适合度劣势（$d=0.50$，$h=0.60$）。

1.4 种群的个体迁移

迁移对害虫抗性演化的影响：（1）无个体迁入或迁出；（2）只有SS个体迁入；（3）有SS个体迁入和受药种群个体迁出；（4）携有R基因的个体迁入；（5）携有R基因的个体迁入和受药种群个体迁出。

1.5 害虫种群起始条件

假定种群的起始数量（N_0）为200，环境容量（K）为1 000 000，防治阈值（ET）为100，起始抗性基因的频率（P_0）为0.0001、0.001、0.01和0.1，除特别指明外，模型模拟的起始频率为0.0001。

1.6 模拟模型

本研究中所用的种群数量增长模型和抗性基因频率模型为：

$$
\begin{aligned}
N_{t+1} &= N^{RR}{}_{t+1} + N^{RS}{}_{t+1} + N^{SS}{}_{t+1} \\
&= [p_t^2 N_t W_{RR}(1-q_c) + f^2 m_i]\exp[r_{RR}(1-W_t/k)] + \\
&\quad [2p_t q_t N_t W_{RS}(1-q_c) + 2f(1-f)m_i]\exp[r_{RS}(1-W_t/k)] + \\
&\quad [q_t^2 N_t W_{SS}(1-q_c) + (1-f)^2 m_i]\exp[r_{SS}(1-W_t/k)] \\
m_i &= (p_t^2 W_{RR} + 2p_t q_t W_{RS} + q_t^2 W_{SS}) N_t q_r \\
W_t &= (p_t^2 W_{RR} + 2p_t q_t W_{RS} + q_t^2 W_{SS}) N_t (1 + q_r - q_c) \\
p_{t+1} &= (2N^{RR}{}_{t+1} + N^{RS}{}_{t+1})/2N_{t+1}
\end{aligned}
$$

式中：N_t、N_{t+1}分别为第 t 世代和 $t+1$ 世代的个体数量。$N^{RR}{}_{t+1}$、$N^{RS}{}_{t+1}$、$N^{SS}{}_{t+1}$分别为第 $t+1$ 世代中RR、RS、SS的个体数量。p_t、p_{t+1}分别为第 t 世代和 $t+1$ 世代中抗性基因的频率，q_t 为第 t 世代中敏感基因的频率，且 $p_t+q_t=1$。W_{RR}、W_{RS}、W_{SS}分别为杀虫剂作用下RR、RS、SS个体的存活率；当种群无杀虫剂作用时，它代表的是RR、RS、SS个体的适合度值，即 $W_{RR}=d$，$W_{RS}=h$，$W_{SS}=1$。r_{RR}、r_{RS}、r_{SS}分别为RR、RS、SS个体的内禀增长率。q_c 为处理区内迁出个体占种群所有个体总数的比例。q_r 为迁入个体占处理区内原有个体总数的比例。f 为迁入个体所在种群中抗性基因的频率。K 为环境容量。

模型模拟时，将各参数代入上述模型，在计算机上用C语言编制成程序进行运算。

1.7 模拟结果的验证方法

1.7.1 小菜蛾 *Plutella xylostella*“合成群体”的建立：采用点滴法，按 RS 的 LD_{99} 剂量（156.5 μg/虫）将氰戊菊酯丙酮液点滴于抗性品系小菜蛾 4 龄幼虫（体重 2 mg/虫～3 mg/虫）胸部背面，每虫 0.3 μL，共点滴处理幼虫 2 385 头。幼虫点滴处理后放在干净的果酱瓶内用新鲜卷心菜叶饲养，24 h 后共存活幼虫 25 头。将存活幼虫继续用新鲜卷心菜叶饲养，结果得抗性纯合子蛹 16 个（6 ♂，10♀）。在其羽化后未交配前，将其中的 6 只（3 ♂，3♀）放入装有 594 只（297 ♂，297♀）敏感品系蛾子的养虫笼内，让它们自由交配，雌蛾产卵得抗性个体频率为 0.01 的小菜蛾“合成群体”F_1 代。让 F_1 代个体自交，得 F_2 代幼虫（亲本）供筛选试验用。

1.7.2 抗性选育方法：小菜蛾在野外具世代重叠形式，为使试验种群符合模型假定，试验时每世代只挑选部分个体进行饲养。先用 3 龄幼虫进行生测，确定 LC_{60} 值。筛选时，每代以 LC_{60} 处理，24 h 后将存活者取出继续饲养繁殖。有 SS 个体“迁入”时，“迁入”比例为 20%。根据处理幼虫存活后所化的蛹数即可确定需“迁入”的 SS 蛹个数。

1.7.3 生物测定：参考 Zhao（1993）[12] 的方法，将干净的卷心菜叶分别置于不同浓度的杀虫剂水溶液中浸渍 5 s，取出晾干。然后将 3 龄小菜蛾幼虫置于叶片上，24 h 后检查死亡率。每种杀虫剂各设 6 个浓度，每种浓度各测试 30 条幼虫，以针触无反应为死亡。试验结果用根据 Finney 机率值分析法编制的程序在计算机上进行统计分析，求出 LC_{50}、回归方程和 LC_{50} 的 95% 置信限等，然后根据测得的 LC_{50} 值计算抗性倍数。

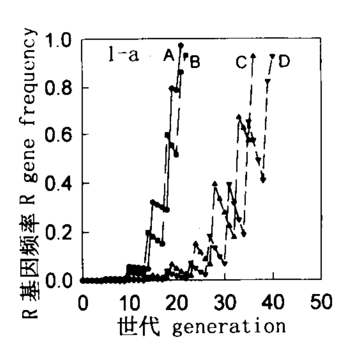
2 结果与分析

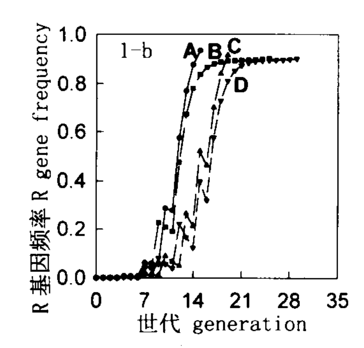
2.1 不同杀虫剂作用强度下，迁入 SS 对害虫抗性演化的影响

利用抗性个体具有中等或完全没有适合度劣势的种群作模拟研究。结果表明，在 SS 个体迁入比例为 0.05 的情况下，不论杀虫剂作用强度如何，无适合度劣势的种群的抗性演化速度基本不能被延缓，抗性个体具中等适合度劣势的种群的抗性演化也只能被轻微延缓（图 1）。而图 2 表明，在杀虫剂高作用强度下，当迁入的 SS 个体与种群原有个体的比例达到 0.3 时，抗性个体具中等适合度劣势的种群抗性演化速度才会被显著延缓，达到 0.7 时可被完全阻止（图 2-a）。然而，由于 SS 个体迁入增大了种群基数，因而在相同环境条件和经济阈值下，有 SS 个体迁入的种群所需的施药次数比无 SS 个体迁入的要多得多。因此，生产上若采用人工释放 SS 个体来控制害虫的抗性演化时，应根据经济利益原则来确定最佳的释放比例。杀虫剂作用强度较高或中等的情况下，无论多大比例的 SS 个体迁入施药区，具中等适合度劣势的种群的抗性演化均不能被延缓或阻止（图 2-b 和图 2-c）。说明 SS 个体迁入处理区延缓害虫的抗性演化是有条件的，并非象以前人们所认为的那样在所有条件下均有效。

2.2 不同起始 R 基因频率下，SS 个体迁入对抗性演化的影响

由于用药历史不同，各种群的抗性水平也不同。模拟结果表明（图 3），害虫 R 基因的起始频率越高，SS 个体迁入阻止或延缓抗性演化的效果越差；且当 R 基因频率达到 0.01 时，SS 个体的迁入基本不能延迟抗性演化。因此，生产上应用这一策略控制害虫的抗性时，为取得最佳效果，应在 R 基因频率很低时就采用。





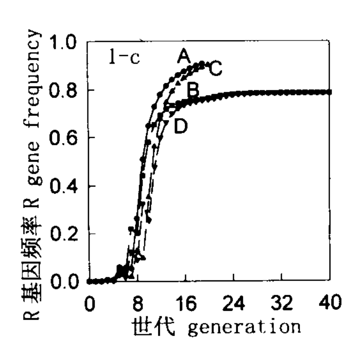


图 1 不同杀虫剂作用强度下 SS 个体迁入对害虫种群中 R 基因频率变化的影响

Fig. 1 Effect of immigration of SS individuals on the change in R gene frequencies in the pest population under different insecticide selection pressures

A: $d=h=1$, $q_r=0$; B: $d=h=1$, $q_r=0.05$; C: $d=0.7$, $h=0.75$, $q_r=0$; D: $d=0.7$, $h=0.75$, $q_r=0.05$;

1-a: 高死亡率 (Under highest mortality); 1-b: 较高死亡率 (Under high mortality);

1-c: 中等死亡率 (Under medium mortality)

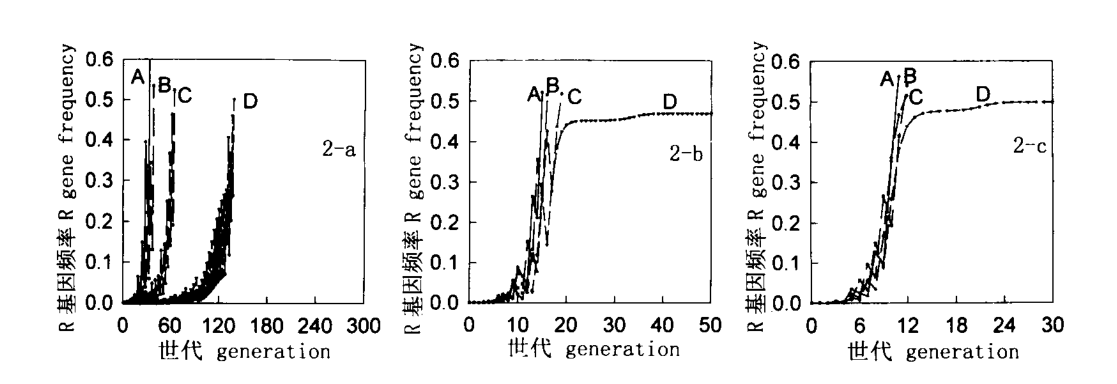


图 2 不同杀虫剂作用强度下 $d=0.7$, $h=0.75$ 时，不同比例的 SS 个体迁入对害虫种群中 R 基因频率变化的影响

Fig.2 Effect of different SS-immigrant ratios on the change in R gene frequencies in pest population under different insecticide selection pressures ($d=0.7$, $h=0.75$)

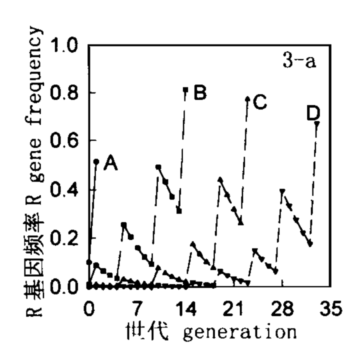
A: $q_r=0$; B: $q_r=0.1$; C: $q_r=0.3$; D: $q_r=0.5$;

2-a: 高死亡率 (Under highest mortality); 2-b: 较高死亡率 (Under high mortality);

2-c: 中等死亡率 (Under medium mortality)

2.3 SS 个体迁入和种群原有个体迁出对抗性演化的联合影响

图 4 是 SS 个体迁入和种群原有个体迁出的不同组合对抗性演化的影响。结果表明，在迁移比例相等时，SS 个体迁入药剂处理区能延缓抗性演化。其效果比处理区个体迁出的好。当 $q_c=0.1$ 时，处理区个体迁出对抗性演化只有轻微延缓作用，但当 SS 个体迁入与原有个体迁出同时存在时，种群内 R 基因频率上升到 0.5 所需的时间则大为延长（为无个体迁入和迁出



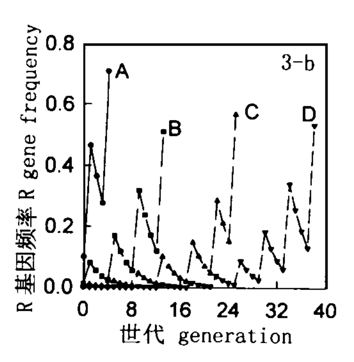


图 3　不同 P_0 下，$W_{RR}=1$，$W_{RS}=0.1$，$W_{SS}=0.01$，$d=0.7$，$h=0.75$ 时，SS 个体迁入对害虫种群中 R 基因频率变化的影响

Fig. 3　Effect of immigration of SS individuals on the change in R gene frequencies in pest population when P_0 is different and $W_{RR}=1$，$W_{RS}=0.1$，$W_{SS}=0.01$，$d=0.7$，$h=0.75$

A：$P_0=0.1$；B：$P_0=0.01$；C：$P_0=0.001$；D：$P_0=0.0001$

3-a：$q_r=0$；3-b：$q_r=0.1$

时的 2.25 倍)，而 SS 个体的迁入与种群内原有个体迁出的比例相同，因而施药区的种群数量不变，种群内 R 基因频率上升到 0.5 所需的施药次数也仅是无迁入和迁出时的 2 倍。由此说明，当药剂处理区有个体迁出时，应用 SS 个体迁入策略能较好的延缓抗性演化；且处理区内个体迁出比例越大，这种延缓效果越好（图 5）。

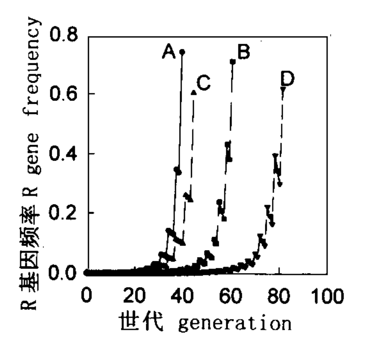
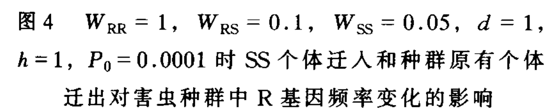


图 4　$W_{RR}=1$，$W_{RS}=0.1$，$W_{SS}=0.05$，$d=1$，$h=1$，$P_0=0.0001$ 时 SS 个体迁入和种群原有个体迁出对害虫种群中 R 基因频率变化的影响


Fig. 4　Effect of immigration of SS individuals or emigration from the area treated on the change in R gene frequencies in pest population, when $W_{RR}=1$，$W_{RS}=0.1$，$W_{SS}=0.05$，$d=1$，$h=1$，$P_0=0.0001$

A：$q_r=0$，$q_c=0$；B：$q_r=0.1$，$q_c=0$；C：$q_r=0$，$q_c=0.1$；D：$q_r=0.1$，$q_c=0.1$

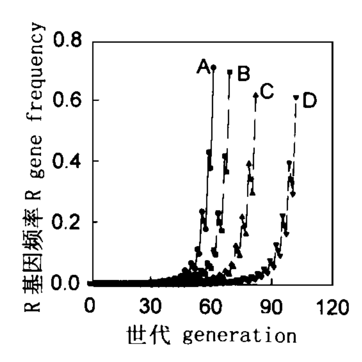


图 5　$W_{RR}=1$，$W_{RS}=0.1$，$W_{SS}=0.05$，$d=1$，$h=1$，$P_0=0.0001$，$q_r=0.1$ 时不同比例的种群原有个体迁出对害虫种群中 R 基因频率变化的影响

Fig. 5　Effect of emigration ratios from the area treated on the change in R gene frequencies, when $W_{RR}=1$，$W_{RS}=0.1$，$W_{SS}=0.05$，$d=1$，$h=1$，$P_0=0.0001$，$q_r=0.1$

A；$q_c=0$；B：$q_c=0.05$；C：$q_c=0.1$；D：$q_c=0.15$

2.4 当迁入个体携有抗性基因时对抗性演化的影响

在种群的迁移中，迁移个体常携有R基因，特别是从杀虫剂处理区向外迁出的更是如此。当迁入个体的R基因频率较大时，人们通常认为会促进迁入区内的抗性演化。模拟研究表明（图6），当迁入比例较小（$q_r \leqslant 0.35$）时，R基因频率为0.01的个体迁入确实会促进迁入区害虫的抗性演化，但当迁入比例大于0.35时，则可延缓抗性演化，且迁入比例越大，效果越明显。当$q_r=0.65$时，无论用药多少次，处理均不会出现抗性。说明迁入个体携有R基因时，它对迁入区内抗性演化的影响与迁入比例有关。

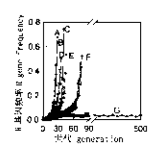


图6 $W_{RR}=1$，$W_{RS}=0.1$，$W_{SS}=0.05$，$d=1$，$h=1$，$P_0=0.0001$，$f=0.01$时不同个体迁入比例对害虫种群中R基因频率变化的影响

Fig. 6 Effect of immigration ratios of different individuals on the change in R gene frequencies in pest population, when $W_{RR}=1$, $W_{RS}=0.1$, $W_{SS}=0.05$, $d=1$, $h=1$, $P_0=0.0001$, $f=0.01$

A: $q_r=0$; B: $q_r=0.05$; C: $q_r=0.15$; D: $q_r=0.35$; E: $q_r=0.45$, F: $q_r=0.55$, G: $q_r=0.65$

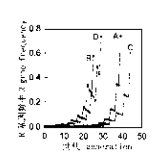


图7 $W_{RR}=1$，$W_{RS}=0.1$，$W_{SS}=0.05$，$d=1$，$h=1$，$P_0=0.0001$，$f=0.01$时不同迁入情形对害虫种群中R基因频率变化的影响

Fig. 7 Effect of different immigration status on the change in R gene frequencies in pest population, when $W_{RR}=1$, $W_{RS}=0.1$, $W_{SS}=0.05$, $d=1$, $h=1$, $P_0=0.0001$, $f=0.01$

A: $q_r=0$, $q_c=0$; B: $q_r=0.1$, $q_c=0$; C: $q_r=0$, $q_c=0.1$; D: $q_r=0.1$, $q_c=0.1$

2.5 迁入个体携有R基因时，不同个体迁移组合对抗性演化的影响

在迁入个体携有R基因的情况下，不同迁移组合对害虫种群抗性演化的影响如图7所示。结果表明，当迁入比例为0.1时，携有R基因的个体的迁入，会促进处理区种群的抗性演化，但这种促进效果可因处理区原有个体的迁出而降低。同时，当处理区原有种群个体的迁出比例为0.1时，对处理区害虫一定世代内的施药次数基本无影响。说明处理区个体的迁出可在一定程度上延缓害虫的抗性演化。显然，这与处理区因个体迁出降低了种群基数和有迁入而减少了携R基因的个体比例有关。

2.6 模拟结果的验证

2.6.1 汰选的小菜蛾的抗性发展：由表1、表2可知，抗性个体频率为0.01的小菜蛾种群，其3龄幼虫在氰戊菊酯作用下，当药剂对每代幼虫的致死率在60%左右时，8个世代后，小菜蛾3龄幼虫对氰戊菊酯的抗性水平上升了75.87倍（无SS个体）和21.34倍（有SS个体迁入）。说明在低杀虫剂作用强度下，SS个体的迁入可延缓小菜蛾对氰戊菊酯的抗性演化。

表 1　氰戊菊酯连续处理时小菜蛾 3 龄幼虫对药剂敏感度的变化

Table 1　Change in susceptibility of the 3rd instar larvae of *P*. *xylostella* to fenvalerate after fenvelerate-treatment

世代 Generation	LC_{50} (mg/L)	回归方程 Regression equation	LC_{50}的 95%置信限 95%CL of LC_{50} (mg/L)	抗性倍数* Resistant ratio
亲本	184.57	6.8685 + 1.0777*X*	97.03～351.08	1.00
F_2	1 437.29	6.2360 + 1.4672*X*	1 031.18～2 003.34	7.79
F_3	2 975.04	5.6786 + 1.2889*X*	2 076.44～4 262.51	16.12
F_4	3 418.80	5.7127 + 1.5289*X*	2 466.41～4 738.94	18.52
F_5	3 866.24	5.5747 + 1.3924*X*	2 740.18～5 455.05	20.95
F_7	10 403.18	4.9759 + 1.4149*X*	7 468.19～14 491.62	56.36
F_8	14 003.74	4.8239 + 1.2042*X*	9 438.21～20 777.40	75.87

* 抗性倍数 ＝ 处理后各代幼虫的 LC_{50}值/亲本幼虫的 LC_{50}值，以下同（Resistant ratio＝LC_{50} of different generations/LC_{50} of parent generation. Same in Table 2）

表 2　氰戊菊酯连续处理且有 SS 个体迁入时小菜蛾 3 龄幼虫对药剂敏感度的变化

Table 2　Change in susceptibility of the 3rd instar larvae of *P*. *xylostella* to fenvalerate after fenvelerate-treatment and immigration of SS individuals

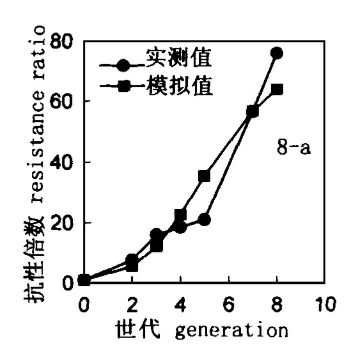
世代 Generation	LC_{50} (mg/L)	回归方程 Regression equation	LC_{50}的 95%置信限 95%CL of LC_{50} (mg/L)	抗性倍数* Resistant ratio
亲本	184.57	6.8685 + 1.0777*X*	97.03～351.08	1.00
F_2	587.31	6.5501 + 1.2591*X*	394.26 ～874.89	3.18
F_3	1 330.87	6.1974 + 1.3672*X*	944.80～1 874.70	7.21
F_4	1 407.86	5.6287 + 0.7384*X*	751.88～2 636.17	7.63
F_5	3 591.79	5.5320 + 1.1964*X*	2 450.17 ～5 265.33	19.46
F_7	3 551.25	5.3404 + 0.7570*X*	1 927.63 ～6 542.44	19.24
F_8	3 938.14	5.4660 + 1.1514*X*	2 662.90 ～5 824.07	21.34

2.6.2　验证试验与系统模拟的比较：当抗性个体频率为 0.01、杀虫剂处理导致 60%的个体死亡时，在氰戊菊酯连用及每代有 20%的 SS 个体迁入的情况下，根据模型模拟结果（据报道，小菜蛾抗氰戊菊酯个体无适合度劣势和内禀增长率劣势[13]）与验证试验得到的小菜蛾对氰戊菊酯的抗性演化情况如图 8 所示。

在杀虫剂致死 60%的作用强度下，模拟得到的小菜蛾对氰戊菊酯的抗性演化趋势，与验证结果具有较好的一致性。说明抗性模拟模型可用于害虫的抗性演化预测和分析。

3　结论与讨论

（1）携有 R 基因的 RS 个体迁入对杀虫剂处理区中抗性演化的影响与其迁入比例有关。



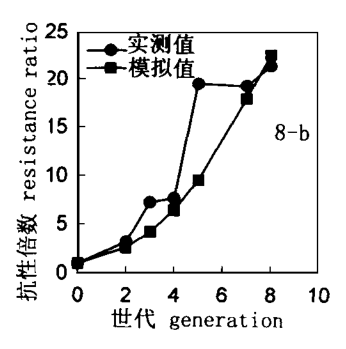


图 8 氰戊菊酯连续处理下，小菜蛾抗性变化的模拟和实测值比较

Fig. 8 Comparison of simulated and tested values of resistance by successive fenvalerate treatment during $F_1 \sim F_8$ generations

8-a：无 SS 个体迁入（No immigration of SS individuals）；

8-b：每世代有 20%的 SS 个体迁入（20% immigration of SS individuals per generation during $F_1 \sim F_8$）

当迁入比例达到某一值时，可完全阻止害虫的抗性演化。这一结论与人们通常认为的携 R 基因个体的迁入只会促进害虫抗性演化的观点有一定的差异。说明在害虫抗药性管理中，处理区释放 RS 个体确实可延缓或阻止害虫抗性的发展。显然，这一结论对某些害虫（如蚊、蝇）的抗性治理而言，具有相当重要的理论意义。因为蚊虫等害虫的防治通常只针对成虫阶段进行，当使用的杀虫剂具有较长的残留期时，为延缓抗性发展而在施药区释放的 SS 个体常被残留的药剂杀死，导致这种以释放 SS 个体为主要手段的抗性治理失败。相反，如果在处理区释放携有 R 基因的个体，那么释放的个体因对药剂有一定的抗性，因而不易被残留的药剂杀死。因此，通过这种方法来控制害虫的抗性演化反而容易成功[14]。

(2) 当有迁入存在时，施药区原有个体的迁出，因降低了种群基数和减少了携 R 基因个体的比例，因而可减轻低比例的 RS 个体迁入对抗性的促进和加强 SS 个体迁入对抗性的延缓或阻止作用；并且，迁出比例越大，这种趋势越明显。

参 考 文 献 (References)

[1] 唐振华，韩启发. 害虫抗性杂合子死亡率对抗性进化的影响. 环境科学学报，1989，9 (3)：284～291

[2] 唐振华. 昆虫抗药性及其治理. 北京：农业出版社. 1993，386～403

[3] 唐振华，莫建初. 害虫抗药性模拟系统的研究进展. 见：冷欣夫，唐振华，王荫长主编. 杀虫药剂分子毒理学及昆虫抗药性. 北京：中国农业出版社. 1996，148～158

[4] Caprio M A *et al*. Gene flow accelerates local adaptation among finite population: Simulating the evolution of insecticide resistance. J. Econ. Entomol., 1992, 85: 611～620

[5] Comins H N. The development of insecticide resistance in the presence of migration. J. Theor. Biol., 1997, 64: 177～197

[6] Daly J C *et al*. Resistance frequencies in overwintering pupae and the first spring generation of *Helicoverpa armigera*: Selective mortality and immigration. J. Econ. Entomol., 1990, 83: 1 682～1 688

[7] Donholm I *et al*. Factors affecting resistance to insecticides in houseflies, *Musca domestica* L. IV. The population biology of flies on animal farms in southeastern England and its implications for the management of resistance. Bull. Entomol. Res., 1985, 75: 143～158

[8] Kence M *et al*. Control of insecticide resistance in laboratory population of housefly by introduction of susceptibility genes. J. Econ. Entomol.，1993，86：189～194

[9] Tabashnik B E. Model for managing resistance to fenvalerate in the diamond back moth. J. Econ. Entomol.，1986，79：1 447～1 451

[10] Taylor C E. Suppression of insecticide resistance by alteration of gene dominance and migration. J. Econ. Entomol.，1979，72：105～109

[11] Taylor C E *et al*. Influence of migration in evolution of pesticide resistance. Environ. Entomol.，1982，11：746～752

[12] Zhao J Z，Grafius E. Assessment of different bioassay techniques in monitoring the diamond back moth. J. Econ. Entomol.，1993，86：995～1 000

[13] Motoyama N *et al*. Biochemical and physiological characteristics of insecticide resistance in diamond back moth. In：Talekar N S（ed.）Diamond Back Moth and Other Crucifer Pests. Proceedings of the Second International Workshop Tainan，Taiwan，10～14 December 1990. Asia Vegetable Research and Development Center. Taibei. 1992，411～418

[14] May R M *et al*. Population dynamics and the rate of evolution of pesticide resistance. In：National Academy of Sciences（ed.）Pesticide Resistance：Strategies and Tactics for Management. National Academy Press，Washington，D. C. 1986，170～193

Effect of migration on the evolution of resistance of pest population to insecticides

MO Jian-chu，ZHUANG Pei-jun，TANG Zhen-hua

（Shanghai Institute of Entomology，Chinese Academy of Sciences，Shanghai 200025）

Abstract：Influence of individual migration on the evolution of resistance of pest population to insecticides has been studied based on population genetics by modeling. The simulated results indicate that there is a threshold of migration ratio in the migration of different genotypes influencing the resistance evolution of pest population. If the genotypes of immigration individuals are all susceptible（SS），when the immigration ratio is below the threshold，there is no retarding effect on the evolution of resistance of the pest population，and when the immigration ratio is above the threshold，the delaying effect increases gradually as the immigration increases. The resistance evolution of pest population is entirely prevented when the immigration ratio increases to a certain value. If the genotypes of immigration individuals are all resistant（R gene），and the immigration ratio is below the threshold，then it will accelerate the resistance evolution of pest population. But when the immigration ratio is above the threshold ，it will slow down or stop the resistance evolution of the pest population.

The emigration of individuals from the insecticide-treated area can enhance the effect of immigration of SS individuals on the resistance evolution and reduce the effect of immigration of the individuals with R gene（including RS and RR individuals）on the resistance evolution. The results from modeling and that from bioassay with *Plutella xylostella* appear to have a better consistency. It suggests that the resistance simulation modeling might be useful for predicting and analyzing the evolution of resistance of pest population to insecticides.

Key words：the evolution of resistance to insecticide；migration；pest population